

量子近似最適化アルゴリズムと遺伝的アルゴリズムを併用した最適化手法の検討

順天堂大学健康データサイエンス学部

中田 秀基 董 思越 佐藤 三久

概要

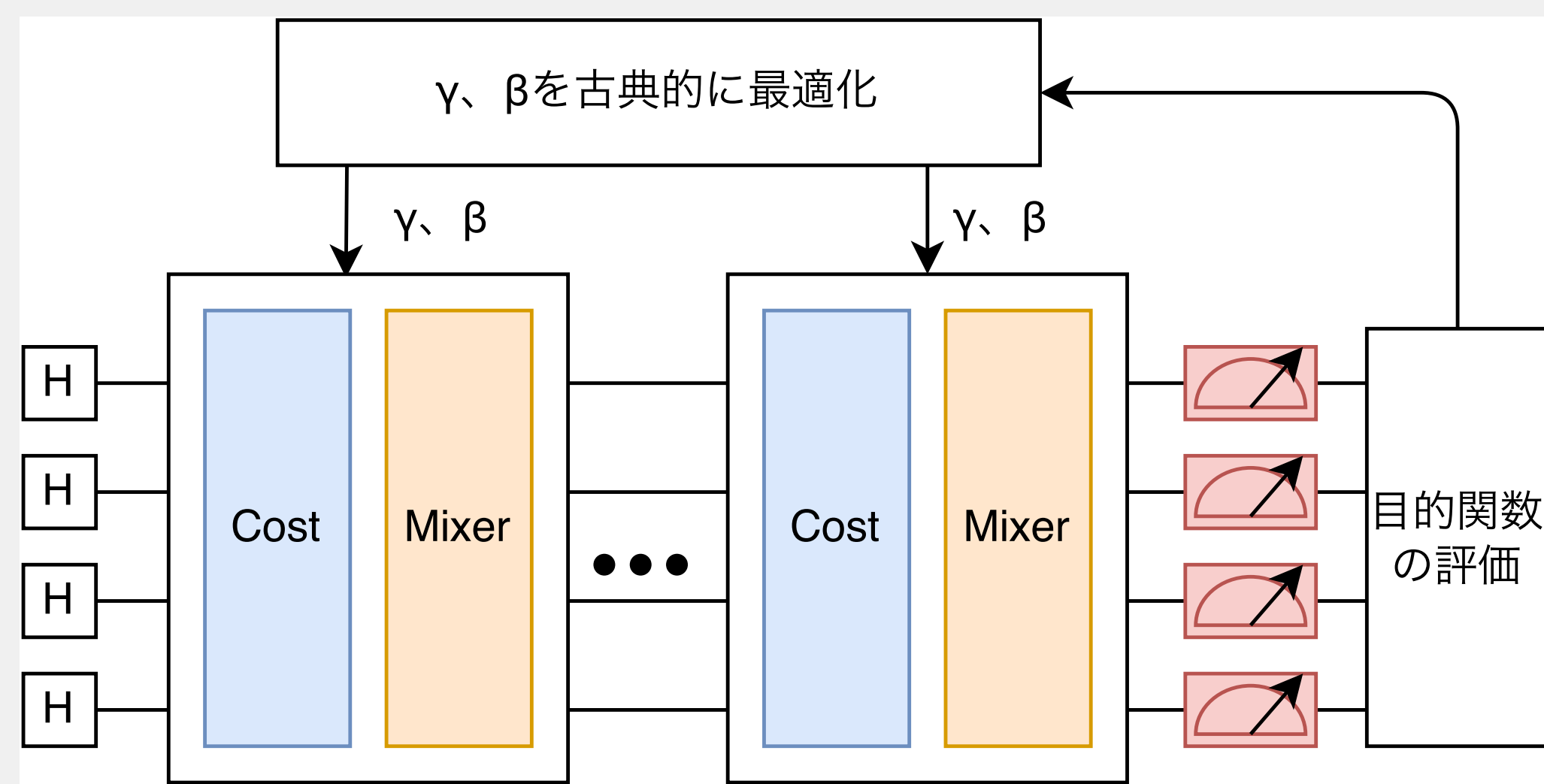
本研究では、層の浅いQAOAで得られる解を、GAの初期解集合とするハイブリッド最適化手法を提案する。グラフの最大カット問題にこの手法を適用して評価を行った。若干の性能向上を確認できた。

提案手法

- ▶ QAOAをGAの初期解集合生成に用いる。
- ▶ QAOAを大域的探索に使用。GAに局所探索を期待する。

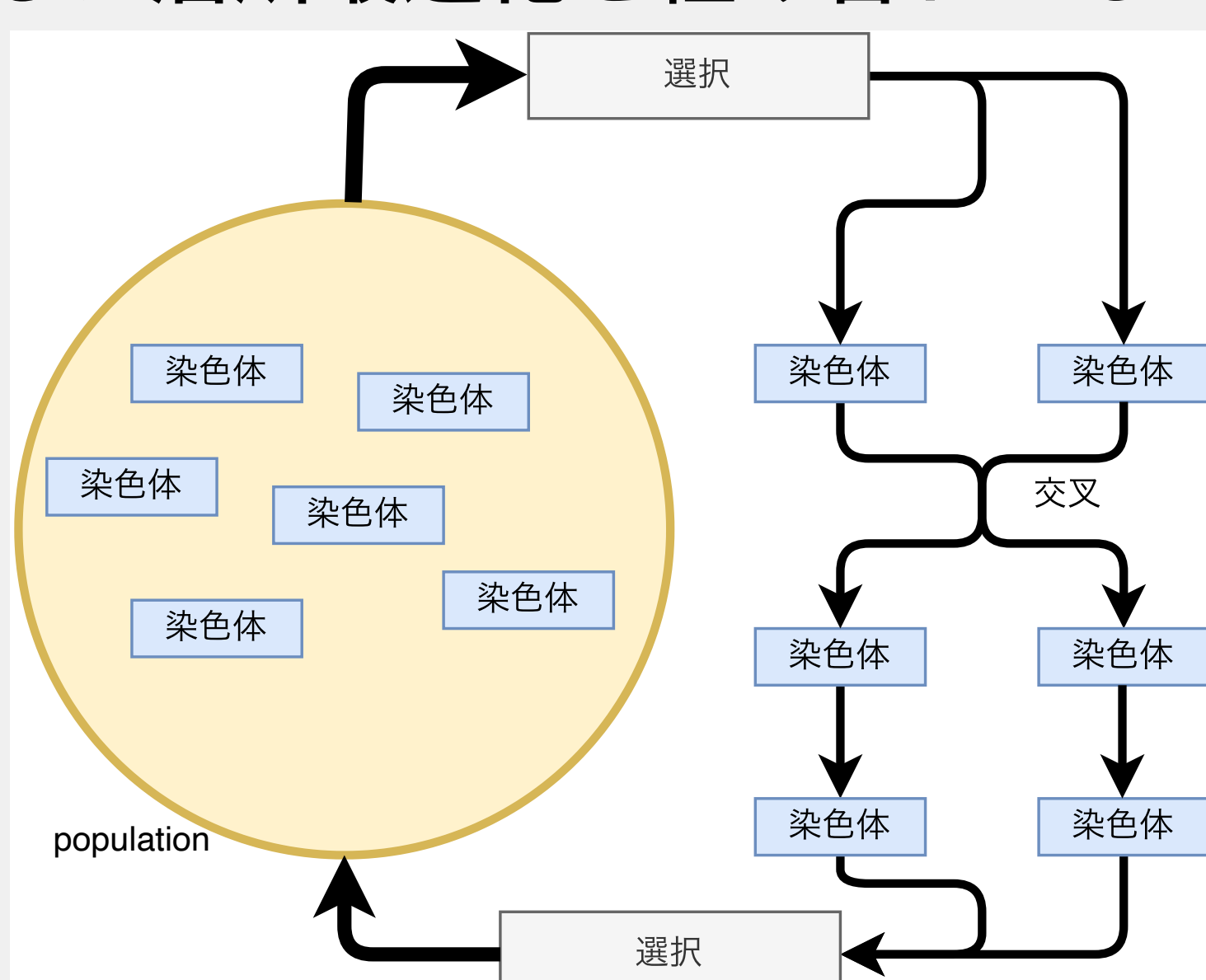
QAOA:量子近似最適化アルゴリズム

- ▶ 量子アニーリングを離散化し、ゲート型量子計算機で実行可能にした手法。
- ▶ 2つのハミルトニアンを交互に最小化することで、大域的探索と局所的探索を行う。
- ▶ 段数を増やせば最適解が得られることが保証されているが、ノイズの影響が大きくなるため現実的ではない。
- ▶ 直接最適解が求まるわけではなく確率分布が得られるだけなので、サンプリングして最適解を探索する必要がある。



GA:遺伝的アルゴリズム

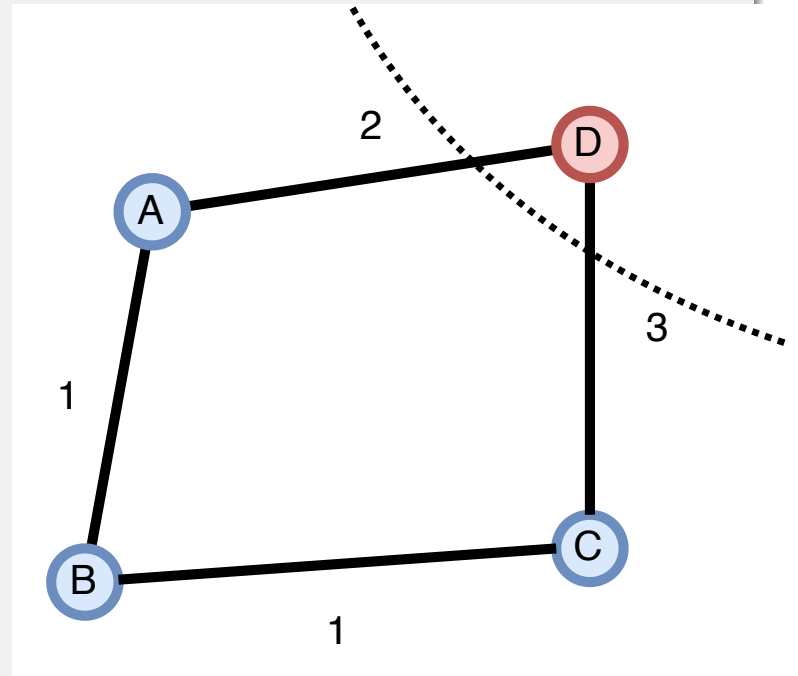
- ▶ 生物の進化にヒントを得た組み合わせ最適化問題に対するメタヒューリスティクスの一つ。
- ▶ 解候補を染色体(chromosome)と呼ぶデータ構造にエンコードし、多数の染色体からなる集合(population)内で、染色体を更新し環境への適応度によって染色体の個体を選択することで、世代交代を行って集合全体の適応度を高めていく。
- ▶ 2つの染色体間でデータ構造の一部を交換する交叉(crossover) および染色体のデータ構造の一部を改変する突然変異(mutation)を行う。
- ▶ 問題に特化した居所最適化を組み合わせることも多い。



- ▶ 初期解集合の性質によって性能が左右される。

グラフの最大カット問題

重み付きグラフを重複のない2つの部分グラフに分割した際に、2つの部分グラフをつなぐ辺の重みの和が最大になるような分割を求める。ノード数14平均次数5で、辺の重みは1-5の整数の一様分布としたグラフを1つ作成し、常にこれを用いた。

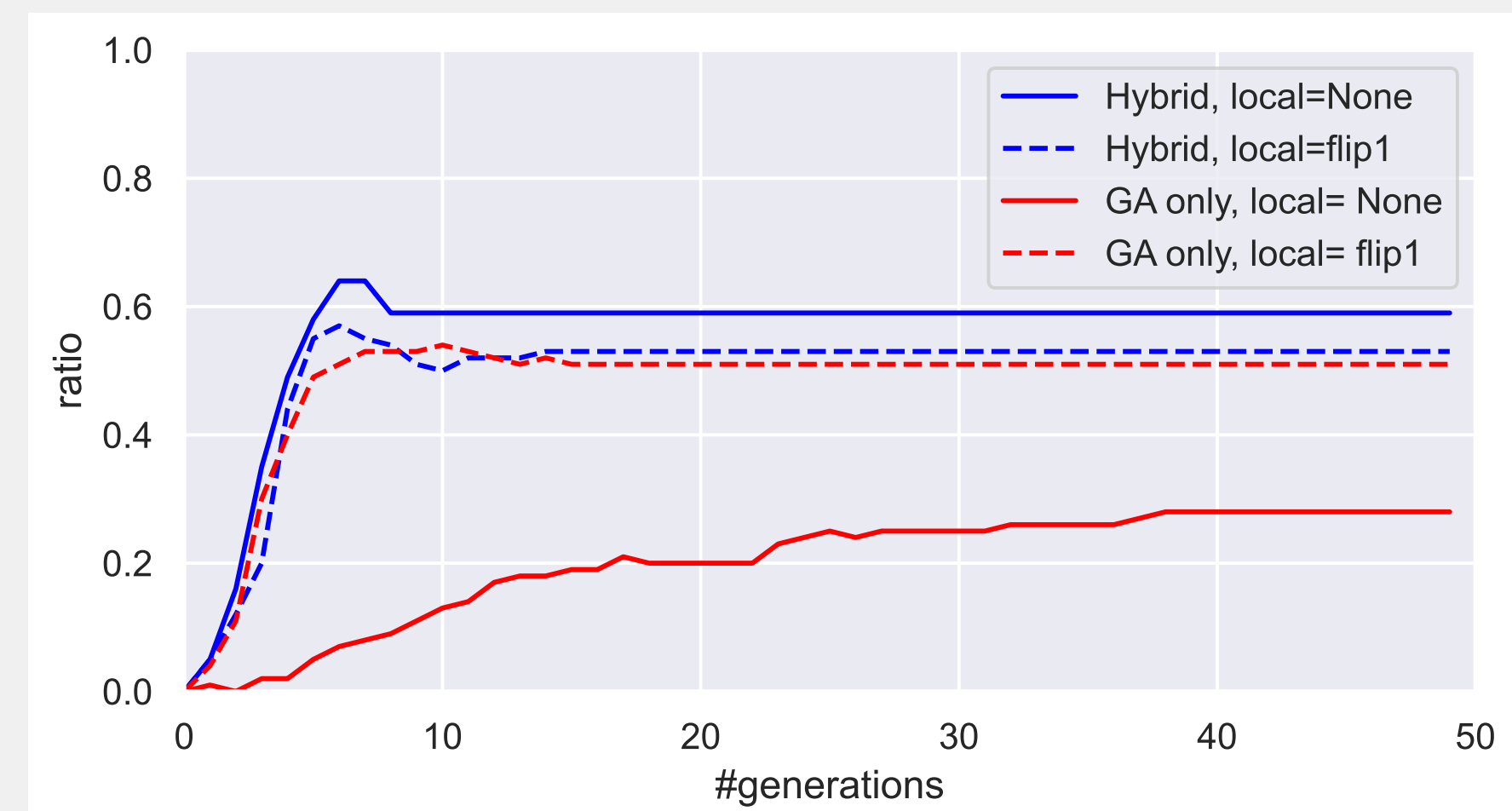


GAの実装

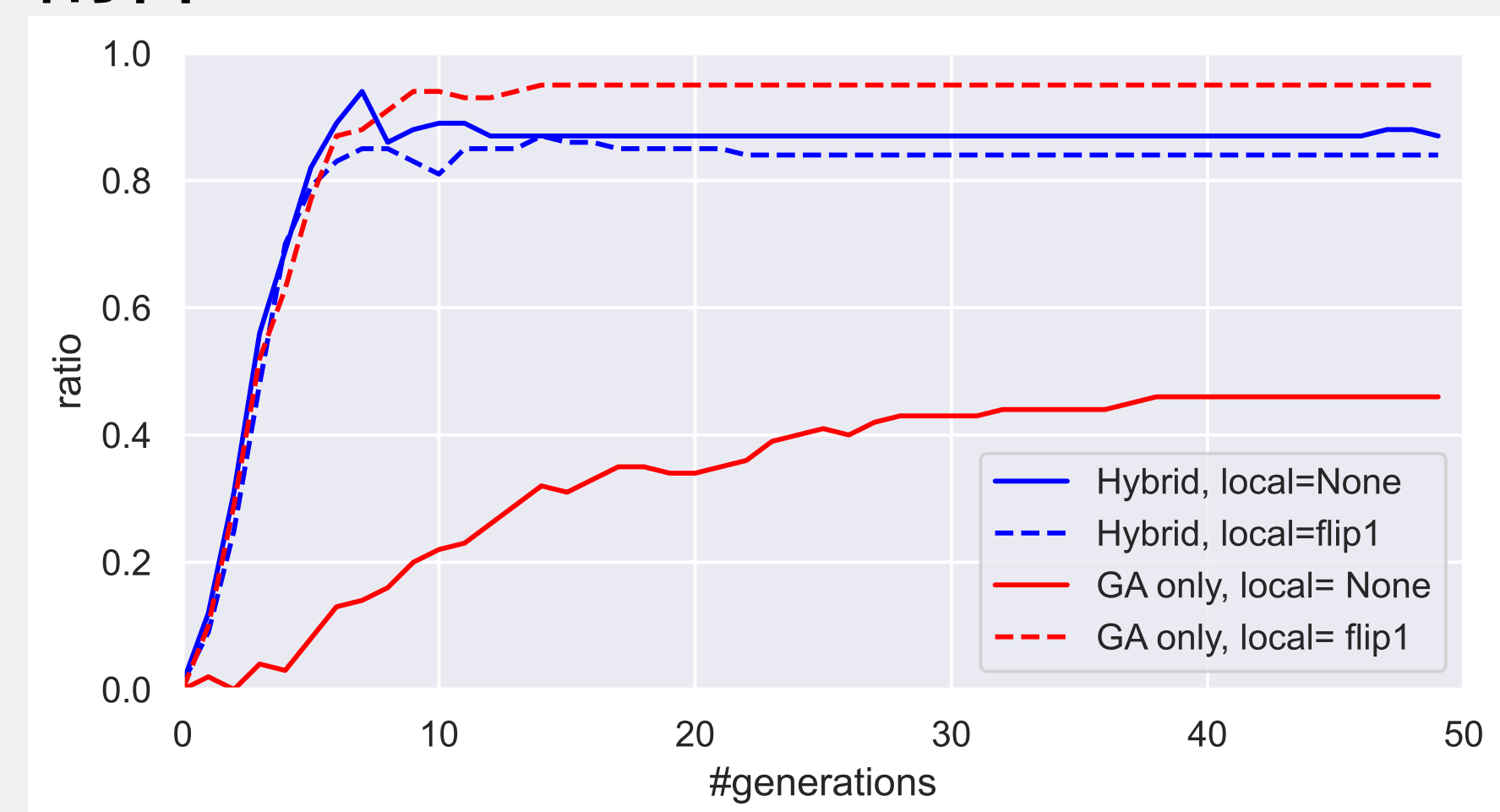
- ▶ 染色体: ノード数の長さの0/1のビット列
- ▶ 交叉: ランダムに位置を選んで1点交叉
- ▶ 突然変異: ランダムなビット反転
- ▶ 選択: 適合性ランキング。エリート戦略は用いない
- ▶ 局所最適化
 - ▶ flip1: すべてのビットに対して1ビット反転を行い最良のものを採用
 - ▶ flip2: ランダムに2ビットを選択して反転。最良のものを採用

結果

- ▶ 初期集合QAOA生成とランダム生成を比較(最適解の割合)
- ▶ 局所最適化なしの場合には顕著な差
- ▶ 局所最適化ありの場合には大差無し



- ▶ 最適解-1の割合



まとめ

- ▶ 性能の向上は限定的
- ▶ 問題サイズが小さく解空間が小さいため、局所最適化の効果で初期値の貢献が判断できない

今後の課題

- ▶ 解空間の大きい問題に適用する。
- ▶ qubitの制約を緩和するため、qubit効率の良いPauli Correlation Encodingを用いる

参考文献

- [1] Farhi, E., Goldstone, J., and Gutmann, S.: A Quantum Approximate Optimization Algorithm, arXiv:1411.4028 (2014)